



XIV Seminário de Iniciação Científica da UESC

22 a 24 de outubro de 2008



Ciências Biológicas

Cod. 140

Otimização e validação de microssatélites (SSRs) oriundos de ESTs da interação cacau – *Moniliophthora perniciosa*

¹Nara Georgia Ribeiro Braz, ²Guilherme Couto Paternostro Neto, ³Lívia Santos Lima, ⁴Karina Peres Gramacho, ⁵Fabienne Micheli.

¹Discente do Curso de Ciências Biológica - UESC, estagiária FITOMOL/CEPLAC, E-mail: naragrb@hotmail.com, ²Discente do curso de Engenharia Ambiental - FTC, estagiário FITOMOL/CEPLAC, E-mail: guilherme_paternostro@zipmail.com.br, ³Discente do curso de Doutorado em Genética e Biologia Molecular - UESC, E-mail: livinhalima@yahoo.com.br, ⁴Pesquisadora CEPEC/CEPLAC, E-mail: gramachokp@hotmail.com, ⁵Pesquisadora UESC/CIRAD, E-mail: fabienne.micheli@cirad.fr.

O cacaueiro (*Theobroma cacao* L.) foi introduzido na Bahia em 1746. Em 1989, a doença vassoura-de-bruxa, causada pelo fungo *Moniliophthora* (= *Crinipellis*) *perniciosa* (Stahel) Singer, foi detectada pela primeira vez na Bahia, estado responsável por 84,5% da produção do cacau nacional. O uso de variedades resistentes é a forma mais econômica e eficaz para controle da doença. A proposta deste trabalho é identificar polimorfismo em ESTs da interação cacau-*Moniliophthora perniciosa* (GESTEIRA et al, 2007; Projeto Ceplac/FAPESB/CNPq) utilizando microssatélites (SSRs) a partir de genótipos de cacaueiro com diferentes fontes de resistência à *Moniliophthora perniciosa*, e comparar os SSRs oriundos das seqüências dos ESTs e SSRs oriundos de seqüências de DNA genômico. A avaliação do polimorfismo utilizando SSR foi feita no DNA (i) de 16 clones de cacau possuindo diferentes fontes de resistência à vassoura-de-bruxa (PIRES, 2003), (ii) do Catongo (genótipo suscetível), (iii) e da F2 (SCA6 x ICS1). Os DNAs foram extraídos e as amostras foram utilizadas em reações PCR para a identificação de polimorfismo de tipo SSR como descrito por Lima et al. (2008). Os marcadores (EST-SSRs e SSRs genômicos) foram testados em 21 genótipos de cacau e os *primers* polimórficos de ESTs foram avaliados em uma população segregante F2 para resistência à vassoura-de-bruxa. Ao comparar os parâmetros gerados pelos 13 marcadores polimórficos de EST-SSRs e SSRs genômicos, observou-se que o número médio de alelos foi maior nesses últimos (3,81 e 5,22, respectivamente). Portanto, os EST-SSRs de cacau obtidos nesta análise são tão polimórficos quanto os SSRs genômicos, e o uso de EST-SSR junto com SSRs genômicos reforça a análise de distância genética entre os 21 genótipos confirmando dessa forma a potencialidade de uso desses dois tipos de marcadores para associação de genes de resistência. Os resultados obtidos no screening dos 13 primers permitiu a seleção de 5 primers que geraram bandas polimórficas entre os genitores. Pode-se concluir que os genitores, bem como a F2 de plantas suscetíveis e resistentes, possuem polimorfismos moleculares que tornam esta população adequada ao mapeamento genético e os polimorfismos encontrados podem ser potenciais marcadores moleculares associados a genes de resistência à vassoura-de-bruxa.

Palavras-chave: vassoura-de-bruxa, resistência, polimorfismo.

Agências financiadoras: CEPEC/CEPLAC, PIBIC e UESC.